

akkor a különböző hangyagazdát használó populációk, melyek között genetikai és ökológiai differenciálódást is tapasztaltunk, önálló konzervációs egységeknek tekinthetők.

Kitekintés

Az egyes fajok genetikai struktúráját számos tényező kölcsönhatása alakítja ki. A fajok életmenete, szaporodási struktúrája és demográfiai jellemzői mind meghatározzák a szelekciós folyamatok és a véletlen hatások genetikai következményeit. Az elterjedési terület földrajzi jellemzői, a populációk elterjedési akadályainak helye és hatékonysága pedig a génáramlás intenzitását befolyásolják. Ezen a folyamatokon túlmenően a fajok történetisége, jégkorszaki refúgiumaik száma és helye, valamint a jelenlegi áréjük kialakulásához vezető benépesedési utak mind hatással voltak és vannak a genetikai differenciálódás (ESU) és a benépesített élőhelyekhez való alkalmazkodás (CU) mintázatára. A

fenti esettanulmányok is világosan mutatják, hogy a fajok genetikai struktúrája nagyon is különböző lehet. Ezért a gyakorlati természetvédelmi munkában különösen fontos, hogy a veszélyeztetett fajok védelmére kidolgozott programokat populációgenetikai vizsgálatok eredményei alapján is megalapozottá tegyék.

Az eredmények nem születhettek volna meg Mester Valéria laboratóriumi munkákban nyújtott segítségével nélkül. A minták begyűjtésében több kolléga is részt vett: Ilonczai Zoltán, Kozma Péter, Peregovits László, dr. Szabó Sándor és dr. V. Sipos Julianna. A kutatást a MacMan EU FP6 projekt, az NKFP-3 B/023/2004, az OTKA T030528, és K84071 pályázatok támogatták.

Kulcsszavak: *evolúciósan szignifikáns egység, konzervációs egység, zánótboglárka, lápi tarkalepke, lápi hangyaboglárka, kis apollólepké*

IRODALOM

Crandall, Keith A. – Bininda-Emonds, O. R. P. – Mace, G. M. – Wayne, R. K. (2000): Considering evolutionary processes in conservation biology. *Trends in Ecology & Evolution*. 15, 290–295. doi:10.1016/S0169-5347(00)01876-0 • <http://www.environment.ucla.edu/cTR/research/ConGen/Crandall-TREE-evo-process-2000.pdf>

Gratton, Paolo – Konopinski, M. K. – Sbordoni, V. (2008): Pleistocene Evolutionary History of the Clouded Apollo (*Parnassius mnemosyne*): Genetic Signatures of Climate Cycles and a 'Time-dependent' Mitochondrial Substitution Rate. *Molecular Ecology*. 17, 4248–4262. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2008.03901.x

Moritz, Craig (1994): Defining Evolutionarily-significant-Units for Conservation. *Trends in Ecology & Evolution*. 9, 373–375. • http://www.dna.ac/filogeografia/PDFs/conserv/Moritz_94_ESUs_conservation.pdf

Pritchard, Jonathan K. – Stephens, M. – Donnelly, P. (2000): Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics*. 155, 945–959. • <http://www.genetics.org/content/155/2/945.full.pdf>

Rákósy László – Tartally, A. – Goia, M. – Mihali, C. – Varga, Z. (2010): The Dusky Large Blue – *Maculinea nausithous* (Bergsträsser, [1779]) in the Transylvanian Basin: New Data on Taxonomy and Ecology. *Nota Lepidopterologica*. 33, 31–37. • http://www1.bio.ku.dk/forskning/oe/cse/media/Rakosy_et_al_NotaLepi_2010.pdf

EGY „REJTETT FAJ” A PANNON RÉGIÓBAN ÚJ EREDMÉNYEK A *MELITAEA PHOEBE* FAJCSOPORT TAXONÓMIÁJÁBAN

Tóth János Pál

PhD, tudományos munkatárs,
Tokaji Borvidék Szőlészeti
és Borászati Kutatóintézet, Tarcál
acutiformis@yahoo.com

Bereczki Judit

PhD, egyetemi adjunktus,
Debreceni Egyetem Evolúciós Állattani
és Humánbiológiai Tanszék,
MTA-DE „Lendület” Viselkedésközülogiai Kutatócs.

Varga Zoltán

DSc, emeritus professzor,
Debreceni Egyetem Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék

Bevezetés

A nappali lepkék a legnépszerűbb élőlénycsoportok közé tartoznak. Ennek is köszönhető, hogy már a XX. század első felében is több genus monografikus feldolgozása megjelent. Ezek közé tartozott Lionel G. Higgins (1941) *Melitaea*-katalógusa, amely színes táblákon örökítette meg az addig ismert palearktikus fajokat. Szintén Higgins volt az első, aki ezen belül a *phoebe*-fajcsoportot definiálta. Genitalia- és szárnymorfológiai jelek alapján hét fajt sorolt ebbe a csoportba. Közülük legismertebb faj a *Melitaea phoebe* (Denis & Schiffmüller, 1775), amelynek elterjedési területe Észak-Afrikától egészen Kelet-Ázsiáig húzódik. A *M. sibina* Alphérak, 1881-et Közép- és Belső-Ázsia magashegységeiből ismerjük. A csoport legnagyobb méretű tagja a *M. scotosia* Butler, 1878, amely kizárólag a Távol-Keleten (Amur-vidék, Mandzsúria, Észak-Kína, Korea, Japán) fordul elő. A *M. aetherie* (Hübner, 1826) a Mediterráneum

nyugati részének lakója, Szicíliában, az Ibériai-félsziget déli részén és Észak-Afrika nyugati részein él. Végül ide tartozik még három viszonylag szűk elterjedésű faj: a közel-keleti *M. turkmanica* Higgins, 1940, *M. consulis* Wiltshire, 1941 és *M. collina* Lederer, 1836.

Az elmúlt évtizedek kutatásai sokat változtattak a Higgins által fölvezetett képen. Kovács Lajos már az 1950-es években rájött arra, hogy Magyarországon két eltérő *phoebe* alak található. Ekkor még az átmeneti fenotípusú egyedek miatt csak alfaji szintű elkülönítésre gondoltak (lásd: *Melitaea phoebe kovacsii* Varga, 1967). A továbbiakban két kutatócsoport egymástól függetlenül ismerte fel a két, átfedő elterjedésű faj életciklusbeli és hernyó-morfológiai különbségeit. Kitűnt, hogy míg a *M. phoebe* elterjedési területének klimatikus sajátosságai alapján évente egy, illetve két nemzedéket hoz létre (Közép- és Dél-Európában rendszerint kettőt), addig a „rejtett” faj mindenütt, a Mediterráneumtól a Kárpát-medencéig, egynemzedékű. Emellett

olasz, görög, izraeli és magyarországi anyagok vizsgálata arra az egybehangzó eredményre vezetett, hogy míg a *M. phoebe* fejlett hernyójának fejtokja fekete, addig a felismert „rejtett faj” fejlett hernyójának fejtokja vörös. Ennek megjelölésére típusanyagok vizsgálata alapján Peter Russel és munkatársai a *M. telona* Fruhstorfer, 1908 nevet (típuslelőhely: Jeruzsálem) javasolták.

Újabb eredmények: molekuláris filogenetika és geometriai morfometria

Az utóbbi évtized molekuláris filogenetikai vizsgálatai (Leneveu et al., 2009) megmutatták, hogy a *M. phoebe* fajcsoport a *Didymaeformia* alnemen belül monofiletikus egységet képez. Ez a vizsgálat megerősítette, hogy a *M. telona* valóban önálló, a *M. phoebe*-től eltérő faj. Emellett az is tisztázódott, hogy a korábban a *M. phoebe* alfajának tekintett, sőt a *M. telonával* is összekevert *M. punica* Oberthür, 1876 is önálló fajt képvisel. Egy további új közlemény (Tóth – Varga, 2011) az ivarszervek

geometriai („landmark”-alapú) morfometriai vizsgálata alapján tovább finomította a *M. phoebe* fajcsoportról alkotott képet. Azt is tisztázta, hogy a *M. phoebe* eltérő alakjaként leírt, majd később alfajának tekintett *M. phoebe ornata* Christoph, 1893 valójában a *M. telona* formakörbe tartozik, és a nevezéktan prioritási szabálya alapján ez a szóban forgó faj érvényes neve (*Melitaea ornata* Christoph, 1893 = *M. telona* Fruhstorfer, 1908). Ez a közlemény mutatta meg, hogy a *Melitaea ornata* elterjedése (1. ábra) jóval nagyobb, mint azt előzőleg gondoltuk, mivel számos helyről került elő Dél-Oroszországból és Kazahsztánból. Egyben világossá vált, hogy a pontomediterrán-turkesztáni faj legészakibb populációcsoportja a korábban a *M. phoebe* alfajaként leírt *M. ornata kovacsi*, amely az erős földrajzi izoláción kívül tápnövény-specializációja (*Cirsium pannonicum*) révén is eltér a faj további populációitól.

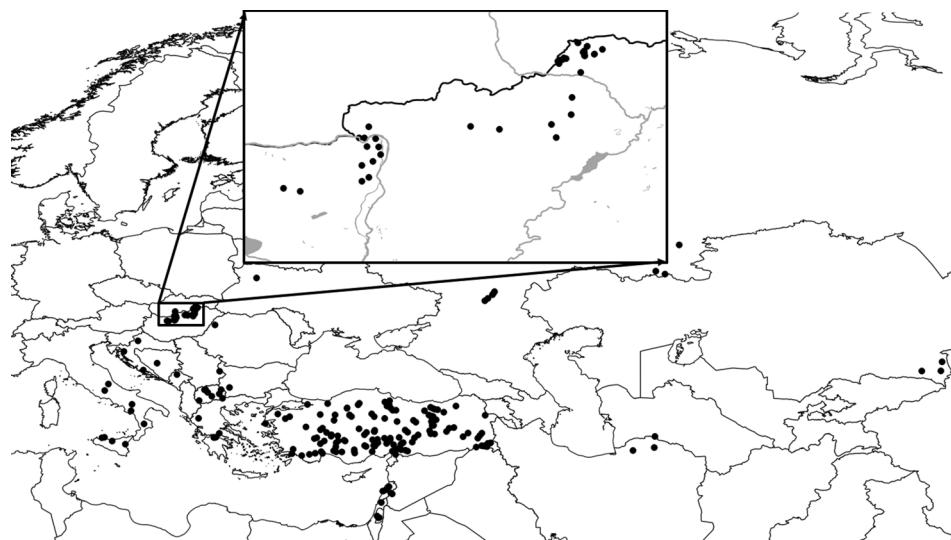
A genitália morfometria eredményei nagyrészt összhangban vannak a DNS-alapú

vizsgálattal. Megerősítik a *M. punica* faji státuszát, és azt mutatják, hogy a *M. sibina* mindössze a *M. phoebe* egy jellegzetes magashegységi alakja. A távol-keleti *M. scotosia* esetében viszont – a DNS-vizsgálatoknak ellentmondóan – megerősítik annak faji státuszát. A morfometriai analízisek egy további eredménye egy eddig ismeretlen új faj leírása Irán területéről (*M. zagrosi* Tóth & Varga, 2011), amely jelentős eltérést mutat az eddig ismert fajoktól a szárnymintázatbeli különbségeken kívül a hím és nőstény genitálialellek alapján egyaránt.

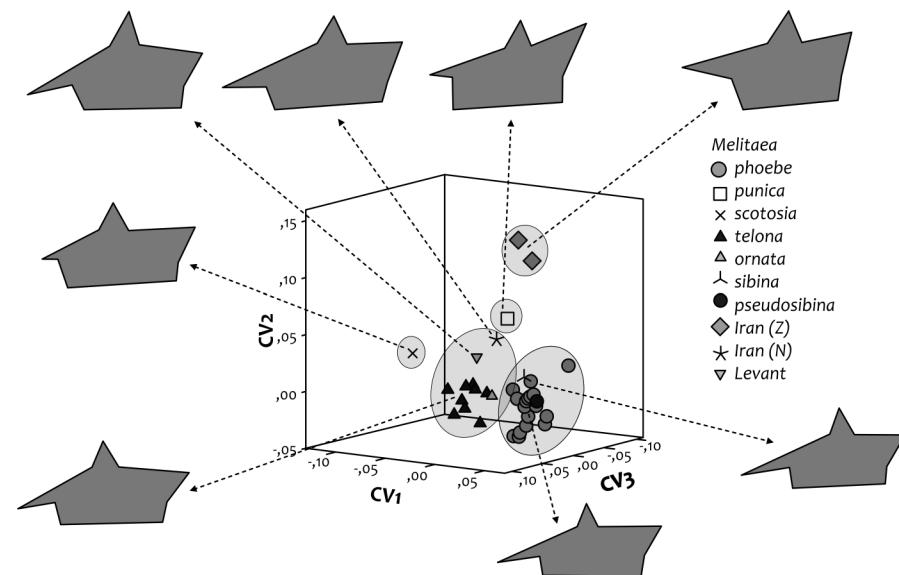
A morfometriai vizsgálatok alapján ordnációt végeztünk, amelynek főbb eredményeit a 2. ábrán mutatjuk be. A diszkriminanciaanalízis *scatterplot*-ján a vizsgált taxonok kilenc *landmark*-pont alapján megszerkesztett átlagos *processus posterior* alakjai láthatók. A morfometriai vizsgálat azt is megmutatta (lásd Tóth

– Varga, 2011), hogy a *M. ornata* elterjedési területén belül négy fő morfortípusra tagolódik.

(i) A „nyugati” morfortípus a dél-itáliai, Kárpát-medencei és délnyugat-ukrajnai populációkat foglalja magába. (ii) A „keleti” csoport a legnagyobb elterjedésű: áréája a Balkán-félsziget keleti részétől Kis-Ázsián és Dél-Oroszországon át Kazahsztánig tart. (iii) A legnagyobb morfológiai távolságot mutató levantei csoport (= *M. ornata telona* s. str.) aránylag szűk területen, Libanon és Izrael területén él. (iv) Az észak-iráni csoport szintén korlátozott elterjedésű, az Elbursz- és Kopetdag-hegységek területéről ismerjük. A *M. ornata* elterjedési modelljének felhasználásával predikáltuk a potenciális refúgiumokat, ahol a faj a legutóbbi jégkorszak lehűlési időszakát vészeltette át. A morfometriai eredmények és a potenciális refúgiumok összevetéséből úgy tűnik, hogy a Kárpát-medence egy Appennini



1. ábra • A *Melitaea ornata* lelőhelyei múzeumi anyagok feldolgozása és irodalmi adatok alapján



2. ábra • A processus posterior landmarkalapú morfometriai elemzése (Tóth – Varga 2011 nyomán). Az ábrán a kanonikus varianciaelemzés *scatterplot*-ja látható a vizsgált taxonok átlagos processus posterior alakjaival 9 landmark pont alapján.

refúgiumból népesült be (lásd Tóth et al., 2013). Ennek részleteit és a fajcsoport eddig kevésbé vizsgált filogenetikai viszonyait azok a molekuláris vizsgálatok hivatottak tisztázni, amelyeket a közelmúltban indítottunk el.

Kitekintés

Úgy véljük, eredményeink rámutatnak arra, hogy a korszerű módszerekkel végzett vizsgálatok lehetővé teszik a korábban, külső morfológiai jelek alapján rejtettnek látszó taxo-

nómiai eltérések, és ezzel a biológiai sokféleség egy finomabb szintjének felismerését. Kitűnt, hogy a vizsgált fajcsoportban a Kárpát-medencében egy sajátos életmódú, földrajzilag elkülönült populációcsoport (alfaj) él, amelynek megőrzése természetvédelmi intézkedéseket igényel.

Kulcsszavak: *rejtett fajok, monofiletikus fajcsoport, genitália-morfológia, molekuláris filogenetika, elterjedés, életciklus*

IRODALOM

- Higgins, Lionel G. (1941): An Illustrated Catalogue of the Palearctic *Melitaea* (Lep. Rhopalocera). *Transactions of the Royal Entomological Society of London*. **91**, 175–365. DOI: 10.1111/j.1365-3113.1944.tb00780.x
- Leneveu, Julien – Chichvarkhin, A. – Wahlberg, N. (2009): Varying Rates of Diversification in the Genus *Melitaea* (Lepidoptera: Nymphalidae) during the Past 20 Million Years. *Biological Journal of the Linnean Society*. **97**, 346–361. DOI: 10.1111/j.1095-8312.2009.01208.x
- Pecsénye Katalin – Bereczki J. – Tihanyi B. et al. (2007): Genetic Differentiation among the *Maculinea* species (Lepidoptera: Lycaenidae) in Eastern Central Europe. *Biological Journal of the Linnean Society*. **91**, 11–21. DOI: 10.1111/j.1095-8312.2007.00781.x
- Russell, Peter – Tennent, W. J. – Pateman, J. – Varga Z. et al. (2007): Further Investigations into *Melitaea telona* Frushstorfer, 1908 (= *ogigia* Frushstorfer, 1908

= *emipunica* Verity, 1919) (Lepidoptera: Nymphalidae), with Observations on Biology and Distribution. *Entomologist's Gazette*. **58**, 137–166.

Tóth János P. – Varga Zoltán (2010): Morphometric Study on the Genitalia of Sibling Species *Melitaea phoebe* and *M. telona* (Lepidoptera: Nymphalidae). *Acta Zoologica Academiae Scientiarum Hungaricae*. **56**, 273–282. • http://actazool.nhmus.hu/56/3/azh56_3_Toth.pdf

Tóth János P. – Varga Zoltán (2011): Inter- and Intraspecific Variation in the Genitalia of the *Melitaea phoebe* Group (Lepidoptera, Nymphalidae). *Zoologischer Anzeiger - A Journal of Comparative Zoology*. **250**, 258–268. DOI: 10.1016/j.jcz.2011.05.002

Tóth János P. – Varga K. – Végvári Zs. – Varga Z. (2011): Distribution of the Eastern Knapweed Fritillary (*Melitaea ornata* Christoph, 1893) (Lepidoptera: Nymphalidae): Past, Present and Future. *Journal of Insect Conservation*. **17**, 245–255. DOI: 10.1007/s10841-012-9503-2



KÉTÉLTŰEK MOLEKULÁRIS TAXONÓMIÁJA A KÁRPÁT-MEDENCÉBEN

Vörös Judit

PhD, főmuzeológus,
Magyar Természettudományi Múzeum
jvoros@nhmus.hu

A Kárpát-medence kételtű- és hüllőfajait az elmúlt száz évben intenzíven vizsgálták a klasszikus taxonómia módszereit alkalmazva. Méhelj Lajos (1862–1953) a két hazai unkafaj morfológiai jellemzését végezte el, miközben elsőként írta le a köztük előforduló hibridizáció jelenségét. Később a magyarországi barna békák anatómiai jellegeiről, színezetéről, fontosabb ismertetőjegyeiről készített tanulmányt. Fejérváry Géza Gyula (1894–1932) a magyarországi békák lárváit rendszerezte. Dely Olivér György (1927–2003) pedig a teljes hazai kételtűfauna határozókönyvét publikálta 1967-ben a *Magyarország Állatvilága (Fauna Hungariae)* sorozat egyik köteteként, majd részletesebben foglalkozott többek között a pettyes göte (*Lisotriton vulgaris*), az alpesi göte (*Ichthyosaura alpestris*), a mocsári béka (*Rana arvalis*) és a kecskebéka (*Pelophylax kl. esculentus*) taxonómiájával. Egyik legjelentősebb művében a hazai alpesigöte-állományok csonttani vizsgálatát mutatta be, amelyben leírta a faj négy új alfaját a Kárpát-medencéből (*Triturus alpestris carpathicus*, *T. a. satoriensis*, *T. a. bükkienensis* és *T. a. bakonyiensis*).

Az elmúlt két évtizedben bevezetett, első sorban DNS-alapú modern taxonómiai

módszerek az európai kételtűfajok molekuláris revízióját eredményezték, amelyek esetenként jelentősen átforgalmazták a göte-, szalamandra- és békafajokról származó taxonómiai ismereteinket. Új fajok felfedezését eredményezte a genetikai változatosság feltérképezése, vagy éppen eddig változatosságnak hitt csoportokon belüli taxonok összevonását végezték el. Így emelték faji rangra például a közönséges tarajosgöte (*Triturus cristatus*) alfajait (Bucci-Innocenti et al., 1983), aminek következtében a hazai götefajok száma is jelentősen megnőtt. Ennek köszönhető továbbá, hogy a *Triturus*-fajcsoport fajszáma háromról nyolcra növekedett (Wielstra et al., 2013).

A molekuláris technikák sokrétű felhasználása azt is eredményezte, hogy új megvilágításba került az egyes fajok elterjedéstörténete. Az elmúlt egymillió év klimatikus változásai nagyban alakították a fajok elterjedését. Az eljegesedési periódusokat a legtöbb Európában előforduló állatfaj mediterrán menedékterületen vészelte át, majd a felmelegedési periódusokban visszatértek észak felé. Az elmúlt évtizedek kutatásai azonban bizonyították azt, hogy a Kárpát-medence is fontos szerepet játszott az európai fauna elterjedés-